

**UNIVERSIDADE DO ALGARVE**  
**FACULDADE DE ENGENHARIA DE RECURSOS NATURAIS**

**Mapeamento genómico de um gene de  
resistência ao míldio em *Brassica oleracea* L.**

(Tese para a obtenção do grau de doutor no ramo de biologia,  
especialidade de genética)

**MÁRIO JORGE AMARO DE JESUS FARINHÓ**

**Orientador:** Doutor José Manuel Peixoto Teixeira Leitão, Professor Catedrático da Faculdade de Engenharia de Recursos Naturais da Universidade do Algarve

**Constituição do Júri:**

**Presidente:** Reitor da Universidade do Algarve

**Vogais:** Doutora Joana Maria Canelhas Palminha Duclos, Professora Catedrática do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa

Doutora Maria Margarida Moutinho Girão de Oliveira Barroso, Professora Auxiliar com Agregação da Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa

Doutor António José Saraiva de Almeida Monteiro, Professor Catedrático do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa

Doutor Alfredo Jaime Morais Cravador, Professor Catedrático da Faculdade de Engenharia de Recursos Naturais da Universidade do Algarve

Doutor Gustavo Nuno Barbosa Nolasco, Professor Associado com Agregação da Faculdade de Engenharia de Recursos Naturais da Universidade do Algarve

Doutora Deborah Mary Power, Professora Catedrática da Faculdade de Engenharia de Recursos Naturais da Universidade do Algarve

**FARO**  
**2006**



Tese de Doutorado financiada pela Fundação  
para a Ciência e a Tecnologia, Subprograma Ciência  
e Tecnologia do 2º Quadro Comunitário de Apoio  
(GGP XXI/BD/3834/96)



## **Agradecimentos**

Gostaria de expressar o meu reconhecimento e agradecimento a todos aqueles que ao longo destes anos, directa ou indirectamente, apoiaram, colaboraram e contribuíram para a realização do trabalho que culmina nesta dissertação.

Em primeiro lugar, a orientação, dedicação, disponibilidade e amizade do meu orientador, Professor Doutor José Leitão, a quem devo o convite para desenvolver um trabalho de doutoramento numa área tão fascinante como é a genómica vegetal, o permanente acompanhamento científico, a cuidadosa revisão do texto e as sugestões dadas, assim como a partilha de vivências e outros conhecimentos, que objectivamente têm vindo a contribuir para a minha formação pessoal.

Ao Professor Doutor António Monteiro, do Instituto Superior de Agronomia, e à Paula Coelho, da Estação Agronómica Nacional, pelo seu contributo directo no desenvolvimento deste estudo, pelo pronto apoio, colaboração e disponibilidade que sempre me concederam.

Devo um agradecimento muito especial ao meu colega e amigo Jorge Carlier pela permanente e interactiva troca de ideias ao longo destes anos, incentivo e apoio que sempre me deu.

A todos os meus colegas e amigos que passaram pelo Laboratório de Genética e Melhoramento de Plantas (E5), actual Laboratório de Genómica e Melhoramento (LGM), da Faculdade de Engenharia de Recursos Naturais (FERN) da Universidade do Algarve, que me acompanharam durante o desenvolvimento deste trabalho e contribuíram, a diferentes níveis, para a minha formação profissional e pessoal, em especial ao Marco Oliveira, Pedro Talhinhos, Carla Santos, Paulo Elisiário, David Vasques, Susana Anahi Dahler, Graça Pereira e Sandra Formiga.

À Luísa Custódio, Juan Fuentes e Márcia Vicente pela amizade, troca de experiências, tanto a nível científico como pessoal, e pela forma como me apoiaram e incentivaram, particularmente nos momentos mais críticos.

À Ana Luísa Ferreira e Cidália Espiguiinha a revisão crítica e desinteressada desta dissertação.

À Joana Vicente do “Horticulture Research International” (HRI, Wellesbourne, Reino Unido) pela paciência, prontidão e boa vontade demonstrada na procura e envio dos artigos solicitados.

À minha família reconhecidamente agradeço o infindável apoio, confiança e compreensão que constantemente têm vindo a demonstrar ao longo da minha vida académica e em particular durante a preparação desta dissertação, sem os quais, seguramente, este trabalho não teria sido possível.

Por último, à Maria do Carmo por tudo o que representa e pelo suporte, incentivo e preciosa ajuda em especial nestes últimos momentos.

Este trabalho foi financiado pelo projecto PRAXIS XXI/2144/95 - "Resistência a doenças e qualidade alimentar das brássicas" e pelo projecto POCTI 33309/99 - "Genetic and molecular characterization of the resistance to downy mildew in *Brassica oleracea*", concedidos pela Fundação para a Ciência e a Tecnologia.

**NOME:** MÁRIO JORGE AMARO DE JESUS FARINHÓ

**FACULDADE:** FACULDADE DE ENGENHARIA DE RECURSOS NATURAIS

**ORIENTADOR:** JOSÉ MANUEL PEIXOTO TEIXEIRA LEITÃO

**DATA:** MAIO DE 2006

**TÍTULO DA TESE:**

## **Mapeamento genómico de um gene de resistência ao míldio em *Brassica oleracea* L.**

### **RESUMO**

O gene *Pp523* confere resistência dominante ao míldio em plantas adultas de brócolo (*Brassica oleracea* ssp. *italica*). Com o objectivo de proceder ao seu isolamento via “map-based cloning”, uma procura sistemática de marcadores moleculares foi conduzida por “bulked segregant analysis”. No total foram identificados quatro marcadores RAPD e quatro AFLP que flanqueiam e se encontram estreitamente ligados ao gene de resistência. Paralelamente, foi construído um mapa genético de elevada densidade de *Brassica oleracea*, no qual o *locus Pp523* foi localizado no topo do grupo de ligamento 3. Foram clonados e sequenciados cinco marcadores mapeados na região genómica de 8.5 cM que envolve o *locus* de resistência. Três destes marcadores foram convertidos em marcadores codominantes SCAR e CAPS. A procura de similaridade entre as sequências dos marcadores DNA clonados e sequências depositadas nas bases de dados genómicas, revelou a existência de uma perfeita colinearidade entre a região genómica de *B. oleracea* contendo o gene *Pp523* e a extremidade do braço superior do cromossoma 1 de *Arabidopsis thaliana*. Dada a proximidade genética entre as duas espécies, a informação sobre esta região genómica específica de *Arabidopsis* será utilizada no mapeamento fino da correspondente região genómica em *B. oleracea*, condição essencial para o isolamento do gene *Pp523* via “map-based cloning”.

**Palavras-chave:** Resistência ao míldio, mapeamento genético e comparativo, *Brassica oleracea*, *Arabidopsis thaliana*, sintenia, clonagem posicional



# Genomic mapping of a downy mildew resistance gene in *Brassica oleracea* L.

## ABSTRACT

*Pp523* is a single dominant gene that confers downy mildew resistance to adult plants of broccoli (*Brassica oleracea* ssp. *italica*). As part of a map-based cloning strategy for the isolation of this gene, a systematic search for molecular markers linked to *Pp523* was carried out using bulked segregant analysis. Four RAPD and four AFLP markers flanking and closely linked in coupling to the resistance gene were identified. Simultaneously, a high-density genetic map of *Brassica oleracea* was constructed. The *Pp523* locus was positioned on the top of linkage group 3. Five markers delimiting a 8.5 cM region surrounding the resistance gene were cloned and sequenced. Three of these markers were transformed into codominant SCAR and CAPS markers. Searched against genomic databases the five *B. oleracea* DNA markers sequences matched *Arabidopsis thaliana* sequences that delimit a conserved syntenic region in the top arm end of the chromosome 1. Bearing in mind the close genetic relatedness between both species, the information on this specific genomic region in *Arabidopsis* will be used to fine-scale map the corresponding genomic region in *B. oleracea*, an essential condition for the isolation of the *Pp523* gene via map-based cloning.

**Key-words:** Downy mildew resistance, genetic and comparative mapping, *Brassica oleracea*, *Arabidopsis thaliana*, synteny, map-based cloning



# ÍNDICE GERAL

Índice de Tabelas.....	XIII
Índice de Figuras .....	XV
Abreviaturas .....	XVII
<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>1</b>
<b>1. ESTADO ACTUAL DOS CONHECIMENTOS.....</b>	<b>7</b>
<b>1.1. Genes de resistência a doenças em plantas .....</b>	<b>7</b>
1.1.1. Classes de genes de resistência .....	10
1.1.2. Estrutura dos genes de resistência.....	17
1.1.3. Organização genómica dos genes de resistência.....	19
1.1.4. A Hipótese ‘Sentinela’ .....	21
<b>1.2. Métodos de clonagem de genes de resistência.....</b>	<b>23</b>
<b>1.3. Mapeamento genético em <i>Brassica</i> .....</b>	<b>26</b>
1.3.1. Importância económica do género <i>Brassica</i> .....	26
1.3.2. As <i>Brassica</i> na era da genómica .....	28
1.3.3. Mapas genéticos baseados em marcadores moleculares .....	32
1.3.3.1. Mapas genéticos de <i>Brassica oleracea</i> .....	34
1.3.3.2. Mapas genéticos de outras espécies de <i>Brassica</i> .....	40
1.3.3.3. Mapeamento comparativo entre espécies de <i>Brassica</i> .....	41
1.3.4. Mapeamento comparativo entre <i>Brassica</i> e <i>Arabidopsis</i> .....	42
1.3.5. Mapeamento de genes de resistência a doenças em <i>Brassica</i> .....	44
<b>1.4. O míldio das crucíferas .....</b>	<b>50</b>
1.4.1. O patógeno: <i>Hyaloperonospora parasitica</i> .....	50
1.4.2. Desenvolvimento da doença.....	51
1.4.3. Sintomatologia .....	52
1.4.4. Controlo da doença.....	53
<b>1.5. Resistência genética ao míldio em <i>Brassica oleracea</i> .....</b>	<b>54</b>
<b>1.6. Mapeamento e clonagem de genes de resistência ao míldio em <i>Brassicaceae</i> .....</b>	<b>57</b>
<b>2. MATERIAIS E MÉTODOS.....</b>	<b>63</b>
<b>2.1. Material vegetal .....</b>	<b>63</b>
<b>2.2. Extracção e quantificação de DNA .....</b>	<b>64</b>
<b>2.3. Preparação dos “bulks” de DNA .....</b>	<b>65</b>
<b>2.4. Análises moleculares .....</b>	<b>65</b>
2.4.1. Análise RAPD.....	65
2.4.2. Análise AFLP .....	67
2.4.3. Análise ISSR .....	69
2.4.4. Análise SSR .....	70

<b>2.5. Análise dos dados e nomenclatura dos marcadores DNA</b> .....	71
<b>2.6. Construção do mapa genético</b> .....	72
<b>2.7. Cobertura do mapa</b> .....	72
<b>2.8. Clonagem e sequenciação dos marcadores DNA</b> .....	73
<b>2.9. Conversão dos marcadores RAPD e AFLP em marcadores PCR específicos</b> .....	77
2.9.1. Marcadores SCAR.....	77
2.9.2. Marcadores CAPS .....	77
<b>2.10. Análise de sequências homólogas e mapeamento comparativo com <i>Arabidopsis thaliana</i></b> .....	78
<b>3. RESULTADOS</b> .....	79
<b>3.1. Identificação de marcadores DNA ligados ao gene de resistência ao míldio <i>Pp523</i> por “bulked segregant analysis”</b> .....	79
3.1.1. Análises moleculares .....	79
3.1.2. Análise de ligamento.....	84
<b>3.2. Construção de um mapa genético de <i>Brassica oleracea</i> L. baseado em marcadores AFLP, RAPD, ISSR e SSR</b> .....	86
3.2.1. Análises moleculares .....	86
3.2.2. Análise de ligamento.....	91
3.2.3. Comprimento e cobertura do mapa .....	97
<b>3.3. Conversão dos marcadores RAPD e AFLP polimórficos em marcadores PCR específicos</b> .....	98
3.3.1. Clonagem e sequenciação dos marcadores DNA .....	99
3.3.2. Análises moleculares .....	100
<b>3.4. Análise de sequências homólogas e mapeamento comparativo com <i>Arabidopsis thaliana</i></b> .....	107
<b>4. DISCUSSÃO</b> .....	111
<b>4.1. Mapeamento genético do gene de resistência ao míldio <i>Pp523</i></b> .....	111
<b>4.2. Desenvolvimento de marcadores SCAR e CAPS</b> .....	114
<b>4.3. Mapeamento comparativo com <i>Arabidopsis thaliana</i></b> .....	118
<b>5. CONCLUSÕES E PERSPECTIVAS</b> .....	123
<b>6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	127
<b>ANEXOS</b>	

## Índice de Tabelas

<b>Tabela 1.1.</b>	Genes de resistência a doenças molecularmente caracterizados em espécies vegetais .....	11
<b>Tabela 1.2.</b>	Características genômicas das espécies de <i>Brassica</i> .....	29
<b>Tabela 1.3.</b>	Mapas genéticos de <i>Brassica oleracea</i> baseados em marcadores moleculares DNA .....	35
<b>Tabela 1.4.</b>	Fontes de resistência ao míldio caracterizadas geneticamente em <i>B. oleracea</i> .....	55
<b>Tabela 1.5.</b>	Genes de resistência ao míldio clonados em <i>Arabidopsis thaliana</i> .....	59
<b>Tabela 2.1.</b>	Primers Operon Technologies utilizados nas análises RAPD .....	66
<b>Tabela 2.2.</b>	Sequência nucleotídica dos adaptadores e primers de pré-amplificação AFLP .....	67
<b>Tabela 2.3.</b>	Combinações de primers EcoRI e MseI utilizados nas análises AFLP .....	68
<b>Tabela 2.4.</b>	Primers ISSR utilizados nas análises moleculares .....	69
<b>Tabela 2.5.</b>	Marcadores SSR utilizados no mapeamento de <i>Brassica oleracea</i> .....	70
<b>Tabela 2.6.</b>	Condições de electroporação utilizadas na transformação bacteriana .....	75
<b>Tabela 3.1.</b>	Co-segregação dos marcadores DNA identificados por BSA e do locus <i>Pp523</i> nos 163 indivíduos F <sub>2</sub> , e respectivo teste de $\chi^2$ .....	84
<b>Tabela 3.2.</b>	Resultados das reacções de amplificação obtidos com os primers SSR .....	90
<b>Tabela 3.3.</b>	Número total de marcadores utilizados na elaboração do mapa genético de <i>B. oleracea</i> .....	91
<b>Tabela 3.4.</b>	Características principais do mapa genético de <i>Brassica oleracea</i> .....	94
<b>Tabela 3.5.</b>	Sequências nucleotídicas dos primers SCAR e condições de amplificação .....	100
<b>Tabela 3.6.</b>	Segregação dos marcadores DNA ligados ao gene <i>Pp523</i> nos 163 indivíduos F <sub>2</sub> .....	106
<b>Tabela 3.7.</b>	Localização dos marcadores DNA de <i>B. oleracea</i> associados ao gene <i>Pp523</i> no genoma de <i>Arabidopsis thaliana</i> .....	108
<b>Tabela 3.8.</b>	Genes de <i>A. thaliana</i> identificados no intervalo genómico definido pelos marcadores OPK.19_980 (At1g01220) e AT.CTA_133 (At1g08370) que apresentam domínios proteicos normalmente associados com genes de resistência .....	110



## Índice de Figuras

<b>Figura 1.1.</b>	Estrutura e localização das proteínas codificadas pelos genes de resistência a doenças em plantas .....	13
<b>Figura 3.1.</b>	Marcadores polimórficos RAPD obtidos por BSA com os primers OPR.15, OPK.17, OPAE.15 e OPJ.19 .....	80
<b>Figura 3.2.</b>	Segregação do marcador RAPD OPR.15_920 identificado por BSA em ligação ao gene de resistência ao míldio <i>Pp523</i> .....	81
<b>Figura 3.3.</b>	Autoradiografia parcial dos marcadores AFLP obtidos por BSA com diferentes combinações de primers EcoRI-MseI .....	82
<b>Figura 3.4.</b>	Segregação do marcador AFLP AG.CAT_300 identificado por BSA em ligação ao gene de resistência <i>Pp523</i> .....	83
<b>Figura 3.5.</b>	Mapa de ligamento dos marcadores DNA identificados via BSA na região genómica de <i>Brassica oleracea</i> (linha ‘PCB15327’) contendo o gene de resistência ao míldio <i>Pp523</i> .....	85
<b>Figura 3.6.</b>	Padrão de amplificação dos progenitores ‘PCB15327’ e ‘GK97362’ e de 10 indivíduos $F_2$ obtido com o primer OPR.15.....	87
<b>Figura 3.7.</b>	Perfil parcial de amplificação AFLP dos progenitores ‘PCB15327’ e ‘GK97362’ e de 28 indivíduos $F_2$ obtido com a combinação de primers <i>E-AAG/M-CAA</i> .....	88
<b>Figura 3.8.</b>	Padrão de amplificação dos progenitores ‘PCB15327’ e ‘GK97362’ e de 12 plantas $F_2$ obtidos com o primer ISSR.27 .....	89
<b>Figura 3.9.</b>	Padrão de amplificação do microsatélite sORA43 em 27 plantas $F_2$ e nos progenitores ‘PCB15327’ e ‘GK97362’ .....	90
<b>Figura 3.10.</b>	Mapa genético de <i>Brassica oleracea</i> construído a partir da população $F_2$ obtida no cruzamento entre a linha de brócolo ‘PCB15327’ e a linha duplo haplóide de ciclo curto ‘GK97362’ .....	93
<b>Figura 3.11.</b>	Padrões de amplificação dos marcadores SCR15, SCJ19, SCK17 e SCAFB1 .....	101
<b>Figura 3.12.</b>	Comparação nucleotídica parcial das sequências dos fragmentos SCJ19 amplificados em ambos os progenitores .....	102
<b>Figura 3.13.</b>	Padrão de segregação dominante do marcador RAPD: OPJ.19_550, padrão de segregação (monomórfica) do marcador SCAR: SCJ19 e padrão de segregação codominante do marcador CAPS: SCJ19/ <i>PagI</i> .....	103
<b>Figura 3.14.</b>	Comparação nucleotídica parcial das sequências dos fragmentos SCAFB1 amplificados em ambos os progenitores .....	104
<b>Figura 3.15.</b>	Representação gráfica das principais homologias detectadas pelo programa BLASTN para as sequências de <i>B. oleracea</i> (linha de brócolo ‘PCB15327’).....	107
<b>Figura 3.16.</b>	Mapeamento comparativo da região genómica de <i>Brassica oleracea</i> contendo o locus <i>Pp523</i> com o mapa físico de <i>Arabidopsis thaliana</i> .....	109



## Abreviaturas

<b>ACGM</b>	“Amplified consensus gene markers”
<b>AFLP</b>	“Amplified fragment length polymorphisms”
<b>APS</b>	Persulfato de amónio (“ammonium persulfate”)
<b>ATP</b>	Adenosina trifosfato
<b><i>Avr</i></b>	Gene de avirulência
<b>BACs</b>	Cromossomas artificiais bacterianos (“bacterial artificial chromosomes”)
<b>BC</b>	Geração obtida por retrocruzamento com um dos progenitores
<b>BLASTN</b>	“Basic Local Alignment Search Tool_Nucleotide”
<b>bp</b>	Pares de bases (“base pairs”)
<b>BR</b>	“Bulk” de DNA de plantas resistentes
<b>BS</b>	“Bulk” de DNA de plantas susceptíveis
<b>BSA</b>	“Bulked segregant analysis”
<b>CAPS</b>	“Cleaved amplified polymorphic sequence”
<b>CC</b>	“Coiled-coil”
<b>cDNA</b>	Ácido desoxirribonucleico complementar (“complementary deoxyribonucleic acid”)
<b>cM</b>	centiMorgan
<b>CNU</b>	“Cheju National University”, Coreia do Sul
<b>CrGC</b>	“Cruciferous Genetic Cooperative”
<b>ddH<sub>2</sub>O</b>	Água bi-destilada
<b>DH</b>	Duplo-haplóide
<b>DNA</b>	Ácido desoxirribonucleico (“deoxyribonucleic acid”)
<b>dNTP</b>	Desoxirribonucleótidos trifosfatados (“deoxyribonucleotide triphosphate”)
<b>EDTA</b>	Ácido etilenodiaminotetra-acético (“ethylenediaminetetra-acetic acid”)
<b>EMBL</b>	“European Molecular Biology Laboratory”
<b>EST</b>	“Expressed sequence tag”
<b>EUA</b>	Estados Unidos da América
<b>F<sub>1</sub></b>	Primeira geração obtida por cruzamento entre dois progenitores
<b>F<sub>2</sub></b>	Segunda geração obtida por autopolinização de um indivíduo F <sub>1</sub>
<b>F<sub>3</sub></b>	Terceira geração obtida por autopolinização de um indivíduo F <sub>2</sub>
<b>FAO</b>	Organização das Nações Unidas para a agricultura e alimentação
<b>FERN</b>	Faculdade de Engenharia de Recursos Naturais da Universidade do Algarve
<b>GLPL</b>	Sequência de aminoácidos: Glicina-Leucina-Prolina-Leucina
<b>GTP</b>	Guanosina trifosfato
<b>h</b>	Hora
<b>HRI</b>	“Horticulture Research International”, Reino Unido
<b>IL-1R</b>	“Interleukin-1 receptor”
<b>INRA</b>	“Institut National de la Recherche Agronomique”, França
<b>ISA</b>	Instituto Superior de Agronomia, Universidade Técnica de Lisboa
<b>ISSR</b>	“Inter simple sequence repeat”
<b>JIC</b>	“John Innes Centre”, Reino Unido
<b>Kin</b>	Quinase
<b>LB</b>	Meio de cultura Luria-Bertani
<b>LGM</b>	Laboratório de Genómica e Melhoramento, FERN, Universidade do Algarve
<b>LOD</b>	“Logarithm of odds”
<b>LRR</b>	Regiões ricas em leucinas (“leucine rich repeats”)
<b>LZ</b>	“Leucine zipper”
<b>MAS</b>	Seleção assistida por marcadores (“marker assisted selection”)
<b>MBC</b>	Clonagem baseado em mapas genéticos (“map-based cloning”)
<b>MBGP</b>	“Multinational <i>Brassica</i> Genome Project”
<b>min</b>	Minuto

<b>MIPS</b>	“Munich Information Center for Protein Sequences”, Alemanha
<b>MRC</b>	Complexos maiores de genes de reconhecimento (“major resistance complexes”)
<b>NBS</b>	“Nucleotide binding site”
<b>NCBI</b>	“National Center for Biotechnology Information”, EUA
<b>NIAB</b>	“National Institute of Agricultural Biotechnology”, Coreia do Sul
<b>NSF</b>	“National Science Foundation”, EUA
<b>PACs</b>	Cromossomas artificiais derivados do P1 (“P1-derived artificial chromosomes”)
<b>PBL</b>	“Plant Bioscience Limited”, Reino Unido
<b>PCR</b>	Reacção em cadeia da polimerase (“polymerase chain reaction”)
<b>PEST</b>	Sequência de aminoácidos: prolina-ácido glutâmico-serina-treonina
<b>PRP</b>	Proteínas relacionadas com a patogenicidade (“pathogen-related proteins”)
<b>QTLs</b>	<i>Loci</i> que regulam características quantitativas (“quantitative trait <i>loci</i> ”)
<b>R</b>	Resistência
<b>RAPD</b>	“Random amplified polymorphic DNA”
<b>RFLP</b>	“Restriction fragment length polymorphisms”
<b>RGLs</b>	“Resistance gene-like sequences”
<b>RILs</b>	“Recombinant inbreed lines”
<b>RLK</b>	“Receptor-like kinases”
<b>RLP</b>	“Receptor-like proteins”
<b>RME</b>	“Receptor-mediated endocytosis”
<b>RNA</b>	Ácido ribonucleico (“ribonucleic acid”)
<b>RNase</b>	Ribonuclease
<b>ROS</b>	Formas reactivas de oxigénio (“reactive oxygen species”)
<b>S<sub>4</sub></b>	Linha obtida após quatro ciclos de autopolinização
<b>SCAR</b>	“Sequence characterised amplified region”
<b>SRC-AAFC</b>	“Saskatoon Research Centre-Agriculture and Agri-Food Canada”
<b>SSR</b>	“Simple sequence repeat” ou microsatélite
<b>SDS</b>	Dodecilsulfato de sódio (“sodium dodecil sulphate”)
<b>STS</b>	“Sequence tag site”
<b>TAE</b>	Acetato tris-EDTA (“tris acetate EDTA”)
<b>TAIR</b>	“The <i>Arabidopsis</i> Information resources”, EUA
<b>TAMU</b>	“Texas A&M University”, EUA
<b>Taq</b>	<i>Thermus aquaticus</i>
<b>TBE</b>	Borato de tris-EDTA (“Tris borate EDTA”)
<b>TDLM</b>	“Trans dominant linked markers”
<b>TE</b>	Tris-EDTA
<b>TEMED</b>	N, N, N', N' - tetrametiletlenodiamino
<b>TIGR</b>	“The Institute for Genomic Research”, EUA
<b>TIR</b>	Região semelhante à proteína de <i>Drosophila Toll</i> e a receptores “interleukin-1”
<b>TM</b>	Motivo transmembrana
<b>Tris</b>	Tris(hidroximetil)aminometano
<b>UV</b>	Ultra-violeta
<b>YACs</b>	Cromossomas artificiais de leveduras (“yeast artificial chromosomes”)